

ETUDE DE POPULATIONS DE SORGHO
EN SELECTION AU MOYEN DE L'ELECTROPHORESE D'ENZYMES

1ERE PARTIE

I. DEGREMONT
IRAT/DCV-programme Sorgho

Septembre 1990

Ce travail a été effectué à la demande de Claude Luce, sélectionneur au Mali. Il s'agissait d'analyser des populations de sorghos au moyen de l'électrophorèse d'enzymes.

Outre un test d'homogénéité et de conformité des lots de semences, plusieurs types de renseignements, directement exploitables dans un programme d'amélioration sont susceptibles d'être obtenus à partir d'une telle étude.

En effet, l'évaluation de la variabilité génétique de(s) l'échantillon (s) considéré(s), et la quantification de la similarité entre les géniteurs peuvent orienter les choix de croisements et permettre d'éliminer éventuellement les génotypes redondants.

La comparaison avec une collection de référence, recouvrant l'ensemble de la variabilité du groupe concerné (ici, les guinea) permet d'estimer la représentativité des échantillons, et de constituer ainsi des populations sources à base génétique large.

Trois populations distinctes ont été étudiées : des guinea d'un programme de sélection initié en contre-saison 87/88 au Sénégal, et poursuivi au Sénégal et au Mali, et des caudatum et des guinea destinés à entrer séparément en sélection récurrente.

Ces variétés ont été étudiées au laboratoire AGETROP/GERDAT à Montpellier.

Huit systèmes enzymatiques (AMYlases, HEXokinases, DIaphorases, ENDopeptidases, Leucine Amino Peptidases, Alcool DesHydrogénases, Phosphatases Acides, ESTérases) ce qui représente 12 locus (dont 2 locus de PA, 3 locus d'EST et 2 locus d'ADH), ont été révélés à partir de mélanges de 6 à 10 graines. Les données obtenues ont été traitées par une Analyse Factorielle des Correspondances (AFC). Pour la première série de variétés, un dendrogramme a été tracé. Les résultats sont présentés séparément pour chaque série de plantes.

I - GUINEA DU PROGRAMME DE SELECTION SENEGAL/MALI

Parmi la trentaine de variétés concernées, seules 20 ont été étudiées. Ce matériel est issu soit de collections, soit de prospections au Sénégal. Les échantillons étudiés proviennent du Mali, du Sénégal, ou du service Semences à Montpellier. Les caractéristiques de ces variétés sont précisées dans le tableau I.

1) Homogénéité des variétés

Trois de ces variétés : 50-8, congossane et 5444, pour lesquelles deux à trois échantillons de provenances différentes ont été analysés, présentent des génotypes qui varient selon l'origine.

Les deux échantillons de 5444, l'un provenant de la collection de Montpellier, l'autre du Mali, présentent deux génotypes différant par quatre locus (AMY, PAB, ESTD, ADHB) mais homogènes (génotypes homozygotes) ; de même, les échantillons de 50-8 du service Semences et du Mali divergent pour 5 locus (PAB, PAC, ESTC, ESTD, ADHB). Par contre, les échantillons de 50-8 et de congossane en provenance du Sénégal, montrent des patterns plurialléliques lorsque l'échantillon traité est constitué d'un mélange d'individus.

Afin de déterminer la composition génotypique de ces variétés, 12 grains ont été analysés individuellement pour les systèmes enzymatiques concernés (ADH pour 50-8, et ADH, END et HEX pour congossane). Deux allèles d'ADHA et deux allèles d'ADHB sont présents chez les deux variétés. Ils sont réunis en deux génotypes chez 50-8 et en quatre génotypes chez congossane. Deux allèles et deux génotypes d'HEX, ainsi que deux allèles et trois génotypes d'END sont identifiés chez congossane (tableau II).

Pour les analyses de données et les calculs, ce sont donc les génotypes du service Semences, considérés comme référence, qui ont été pris en compte.

2) Richesse allélique et diversité de Nei

Les huit systèmes enzymatiques étudiés représentent 11 locus polymorphes et 26 allèles ; les LAP sont monomorphes ; soit une moyenne de 2,36 allèles par locus polymorphe ; un locus étant considéré comme polymorphe lorsqu'au moins deux allèles sont détectés.

Les fréquences alléliques et diversités de Nei par locus sont données dans le tableau III et comparées avec les valeurs des diversités calculées par Ollitrault sur l'ensemble des sorghos cultivés. Les différences observées sont essentiellement dues au fait que certains allèles, rares chez les autres races et donc en fréquence faible sur l'ensemble des sorghos, sont au contraire fréquents chez les guinea, contribuant ainsi à une augmentation de la diversité au locus considéré.

La diversité totale, ou hétérozygotie théorique, corrigée, dans le cas des petits échantillons, par l'indice $\frac{t}{t-1}$ où t est le nombre d'individus observés est égale à :

$$H^* = \frac{t}{t-1} H_i = 0,376 \text{ pour 12 locus}$$

Cette valeur peut toutefois être surestimée du fait du faible nombre de locus étudiés.

3) Taux d'identification des génotypes

Dix-huit génotypes sont dénombrés parmi les 20 variétés étudiées, soit un taux d'identification de 90 % avec 11 locus polymorphes. Les variétés 5023 et L8 d'une part, et L11 et L2 d'autre part, demeurent indistinguables.

4) Distances génétiques

L'indice de distance utilisé est le nombre de locus pour lesquels les deux individus d'un couple portent des allèles différents. La matrice des données est reportée dans le tableau IV.

A partir de cet indice, un dendrogramme a été tracé par agrégation au centre de gravité (figure 1).

Selon le niveau d'agrégation considéré, de 3 à 5 groupes, et de 1 à 4 individus isolés peuvent être identifiés.

Au niveau 2 d'agrégation, on distingue un premier groupe très homogène (indice de distance maximum = 1,3) constitué des variétés L8, 5023, L1 et Tigne (Ia). Deux autres groupes sont formés des variétés L11, L2, 5349 et L22 (IIIa) d'une part, et 5435, 5679, 5414 et congossane (IIIc) d'autre part. Les deux derniers groupes sont en fait des couples d'individus, réunis à l'indice 2, constitués, premièrement des numéros 5680 et 50-8 (IIa), et deuxièmement des numéros 6417 et 5681 (IIc). Les individus 5726, 8731 (IIb), 6215 (IIIb) et 5444 (Ib) restent isolés.

Alors que l'indice d'agrégation 3,15 suffit à former le groupe III (IIIa + IIIb + IIIc), il faut aller jusqu'à l'indice 4 pour constituer le groupe II (IIa + IIb + IIc), assez disparate. L'individu 5444 ne se rattache qu'à l'indice 3,75 au groupe I, qui demeure nettement individualisé du reste des variétés. Le numéro 5726 reste isolé.

5) AFC

Afin d'obtenir une vision synthétique de la diversité, une AFC a été effectuée à partir du tableau de présence/absence des allèles chez chaque individu.

Les variétés 50-8, 5444 et congossane, dont les génotypes ne sont pas clairement déterminés, ont été portées en supplémentaires. Rappelons que ce sont les génotypes des échantillons du service Semences qui ont été pris en compte.

Les quatre premiers axes de l'analyse représentent respectivement 37,9 % ; 16,6 % ; 15,2 % et 11,1 % ; soit 80,8 % de l'inertie totale.

46,9 % de l'information sont représentés par 4 variables (AMY_3 , DIA_2 , PAB_3 , $ESTE_4$) sur l'axe 1, et 62,3 % par quatre autres variables (HEX_1 , PAB_1 , PAB_2 , $ESTE_3$) sur l'axe 2.

L'étude du plan 1/2 de l'AFC (figure 2) corrobore les informations données par le dendrogramme.

En effet, l'axe 1 oppose nettement les individus du groupe I aux autres variétés, 5444 occupant une situation intermédiaire qui traduit son faible rattachement à ce groupe.

L'axe 2 isole le numéro 5726, et différencie le groupe II du groupe III. Cependant, alors que les individus du groupe III forment une unité relativement homogène, les variétés du groupe II sont éclatées en trois sous-unités ; on note l'isolement du numéro 8731, confirmant les observations précédentes, alors que la variété 5681, rattachée à l'individu 6417 dans le dendrogramme, est ici isolée du groupe II et se rapprocherait plutôt du groupe III.

En vue d'évaluer la représentativité de cet échantillon par rapport à l'ensemble des guinea, et d'attribuer éventuellement chaque variété à un groupe génétique donné, les vingt individus de cette population ont été projetés en supplémentaires sur une AFC réalisée sur une collection de 167 sorgho guinea de types botaniques et origines géographiques divers, à priori représentative de la variabilité de cette race.

Le plan 1/2 de cette AFC, représenté en figure 3, permet de préciser les informations données par l'analyse précédente.

Les individus du groupe I s'isolent du reste des variétés et se superposent aux guinea de type margaritifera de la collection.

Les variétés du groupe III se rattachent à un groupe réunissant des sorghos de type gambicum et guineense, originaires d'Afrique occidentale, alors que les individus du groupe II s'apparentent au groupe des guinea conspicuum et roxburghii, originaires, respectivement, d'Afrique du Sud, Sud-est et d'Asie. Ceci semble compatible avec les origines géographiques des différentes variétés, lorsqu'elles sont connues. Le numéro 5681, se rapproche du groupe gambicum et guineense, alors que le numéro 6417, qui lui est associé dans le dendrogramme, se situe à la frontière de ce groupe et de celui des conspicuum et roxburghii. Ceci pourrait éventuellement s'expliquer par leurs origines géographiques différentes (respectivement Mali et Niger, plus oriental) ?

Enfin, le numéro 5444 conserve une position intermédiaire entre les guinea de type margaritiferum et les autres qui s'expliqueraient peut-être si l'on connaissait son origine précise. Il faut noter que le génotype de l'échantillon provenant du Mali se rattacherait au groupe III.

Quant au numéro 5726, il occupe une position originale, à proximité des margaritiferum, alors qu'il n'en est pas un, et que son origine géographique (Mozambique) devrait le rapprocher des sorghos d'Afrique du Sud et Sud-Est.

En ce qui concerne la représentativité de cette population, les groupes I et III recouvrent bien la variabilité des guinea gambicum et guineense d'Afrique de l'Ouest et des margaritiferum ; alors que les sorghos conspicuum et roxburghii d'Afrique du Sud, Sud-Est et d'Asie ne sont que faiblement représentés dans cet échantillon.

6) Richesse allélique et diversité de Nei par groupe

Au vu des données précédentes, trois groupes ont été établis :

- I groupe des margaritiferum : L8, 5023, L1, Tigne auxquels s'ajoute 5444
- II 6417, 5681, 8731, 5680, 50-8
- III L11, L2, 5349, L22, 5435, 5679, 5414, 6215, congossane

La variété 5726 qui n'est rattachée à aucun groupe n'est pas prise en compte.

Les données sont reportées dans le tableau V. Les valeurs ne font que confirmer les données précédentes, à savoir que :

- la presque totalité de la diversité (pourtant faible) du groupe I, est due à la variété 5444 qui, nous l'avons vu plus haut, ne se rattache à ce groupe que d'assez loin ;

- c'est le groupe II qui présente la plus forte diversité traduisant ainsi l'hétérogénéité précédemment remarquée.

Quelques précisions sont cependant apportées :

- certains locus, qui sont également ceux qui contribuent fortement aux premiers axes de l'AFC, sont très discriminants car chaque groupe est caractérisé par un allèle donné (AMY, PAB) ;

- les autres locus, soit ne sont pas déterminants, soit ne discriminent les différents groupes que par des inversions de fréquences alléliques.

Toutefois, étant donné la faiblesse des effectifs pris en compte, ces données ne doivent être considérées qu'à titre indicatif et replacées dans le contexte des autres analyses.

II - GUINEA DU PROGRAMME DE SELECTION RECURRENTE

Quinze variétés ont été étudiées, y compris les numéros 50-8, 6417 et 8731, déjà présents dans la première population analysée. A l'exception de ces trois derniers numéros et des numéros 21502 et 8848, ces variétés sont des écotypes locaux, en collection au Mali (n° "CSM"). Tous les échantillons de semences proviennent du Mali.

1) Homogénéité des variétés

Les variétés CSM 288 et 365 présentent des patterns plurialléliques pour deux locus.

2) Richesse allélique et diversité de Nei

De même que précédemment, 11 locus sont polymorphes, mais seulement 25 allèles sont dénombrés, soit une moyenne de 2,27 allèles par locus polymorphe.

Les fréquences alléliques et diversités de Nei par locus sont données dans le tableau VI. Par rapport à la population précédente, un allèle d'ESTE et un allèle de PAB sont absents, alors qu'un allèle supplémentaire de PAC est représenté.

3) Taux d'identification des génotypes

Parmi les 13 variétés homozygotes, seulement 9 génotypes sont identifiés. Les numéros 21502 et 50-8 d'une part, et CSM 322, 323, 336 et 660 d'autre part, ne sont pas distinguables.

4) Distances génétiques

Le même indice de distance que précédemment a été calculé ; toutefois, étant donné la présence de variétés hétérozygotes, le nombre important de

redondants parmi les génotypes identifiés, et la disparité de ceux-ci, le schéma de l'AFC est plus informatif que le dendrogramme résultant.

5) AFC

Les variétés 8848 et CSM 609, dont les contributions relatives aux premiers axes étaient trop importantes, ont été portées en supplémentaires.

Les quatre premiers axes représentent respectivement : 47,4 % ; 18,0 % ; 13,7 % et 10,5 % de l'inertie, soit 89,6 % de l'inertie totale.

Le schéma de la figure 4 met en évidence la forte différenciation qui existe entre les variétés maliennes et les autres. En effet, les variétés CSM, hormis CSM 609, forment un groupe très homogène, qui s'isole, selon l'axe 1, des autres numéros, eux mêmes scindés, selon l'axe 2, en deux sous-groupes : 50-8; 21502 et 8848 d'une part et 8731, 6417 et CSM 609 d'autre part. Les allèles PAB₁, ADHB₁, PAC₁ et ESTD₁, qui représentent 50,8 % de l'information portée par le premier axe et 29,4 % de celle portée par l'axe 2, suffisent à différencier les trois groupes.

Enfin, comme les précédentes ces variétés ont été projetées sur la collection de guinea (figure 2). Ce schéma montre que les variétés maliennes, y compris CSM 609, bien qu'elle soit plus individualisée, s'apparentent toutes au groupe des gambicum et guineense d'Afrique de l'Ouest, alors que les autres numéros se rattachent au groupe des roxburghii et conspicuum d'Afrique de l'Est et d'Asie ; ce qui ne fait que confirmer la forte structuration déjà signalée plus haut. Aucun margaritiferum ne figure dans cet échantillon.

III - SELECTION RECURRENTE SUR LES CAUDATUM

16 variétés ont été étudiées parmi lesquelles : 7 variétés "CSM", 8 accessions provenant de la collection ICRISAT et 1 variété sélectionnée de l'ICRISAT : ICSV 700.

Malgré plusieurs répétitions, les données concernant les N° IS 3413 et IS 3547 n'ont pu être complétées, en effet trois systèmes enzymatiques se sont avérés impossibles à révéler. Ces deux variétés ne figurent donc pas dans les analyses.

1) Homogénéité des variétés

Les numéros IS 18275, IS 8219, CSM 311 et CSM 558 présentent chacun un locus hétérozygote.

2) Richesse allélique et diversité de Nei

11 locus sont polymorphes, mais ici, c'est le locus ADHA qui est monoallélique, alors que le locus LAP est polymorphe.

27 allèles sont dénombrés, soit un nombre moyen d'allèles par locus polymorphe de 2,45.

Les fréquences alléliques et diversités de NEI sont présentées dans le tableau VII.

3) Taux d'identification génotypique

Les génotypes hétérozygotes s'identifient d'eux-mêmes; tous les génotypes homozygotes sont différents.

4) Distances génétiques

L'indice de distance utilisé ne peut se calculer que pour des génotypes homozygotes, et pour lesquels les données sont complètes. Le nombre d'individus

répondant à ces conditions est donc réduit à 9. Par conséquent, le dendrogramme est peu informatif.

5) AFC

Les quatre individus 8219, 18275, 23516 et 3962 ont été portés en supplémentaires.

Les taux d'inertie portés par les quatre premiers axes sont respectivement : 35,0 % ; 22,8 % ; 17,4 % et 9,2 % totalisant ainsi 84,4 % de l'inertie globale.

Le plan 1/2 de l'AFC est représenté figure 5.

L'axe 1, sur lequel s'opposent les variables DIA_2 et ETD_0 aux variables $ESTC_1$ et $ESTD_1$, différencie les variétés maliennes des numéros ICRISAT, ICSV 700 occupant une position extrême. Ces deux groupes, bien que nettement distincts, sont toutefois très dispersés dans le champ de l'AFC.

Faute d'une collection de référence, ces variétés ne peuvent être comparées qu'entre elles. Toutefois, on peut remarquer la complémentarité des variétés CSM et de celles provenant de l'ICRISAT.

Office d'Édition de la Recherche Scientifique
et Coopération Internationale

O.E.R.S.C.I.



REPROGRAPHIE INDUSTRIELLE
EDITIONS - DUPLICATIONS

Parc Modulopolis H I Zone Euromédecine
Montpellier 67.32.20.05